

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



#3 attachment
09/938641

Jc978 U.S. Pro
09/938641
08/27/01

Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen: 100 42 052.4

Anmeldetag: 26. August 2000

Anmelder/Inhaber: Degussa AG, Düsseldorf/DE

Erstanmelder: Degussa-Hüls Aktiengesellschaft,
Frankfurt am Main/DE

Bezeichnung: Neue für das oxyR-Gen kodierende Nukleotid-
sequenzen

IPC: C 07 H, C 12 N, C 12 Q

**Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der
ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.**

München, den 8. August 2001
Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident
Im Auftrag

Hiebinger

Neue für das oxyR-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Gegenstand der Erfindung sind für das oxyR-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, 5 und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von Bakterien, in denen das oxyR-Gen verstärkt wird. Das oxyR-Gen kodiert für den Transkriptionsregulator OxyR, welcher zur LysR-Familie gehört.

10 **Stand der Technik**

L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung, Anwendung.

15 Es ist bekannt, dass Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere Corynebacterium glutamicum, hergestellt werden. Wegen der grossen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen 20 können fermentationstechnische Massnahmen wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie zum Beispiel die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch zum Beispiel 25 Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion 30 und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite wie z.B. das Lysin-Analogon S-(2-Aminoethyl)-Cystein oder auxotroph für

regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und L-Lysin produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von

5 L-Aminosäure produzierenden Stämmen von *Corynebacterium* eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht.

Aufgabe der Erfindung

10 Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Massnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

Werden im folgenden L-Aminosäuren oder Aminosäuren erwähnt,
15 sind damit eine oder mehrere Aminosäuren einschliesslich ihrer Salze, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, 20 L-Tryptophan und L-Arginin gemeint.

Werden im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt, sind damit auch die Salze wie z.B. Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid
25 aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das oxyR-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das 30 die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,

c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den 5 Polynukleotiden von a) oder b), und

d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des 10 Transkriptionsregulators OxyR aufweist.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das oben genannte Polynukleotid, wobei es sich bevorzugt um eine replizierbare DNA handelt, enthaltend:

(i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, 15 oder

(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Kodes entspricht, oder

(iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz 20 (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls

(iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

Weitere Gegenstände sind

ein Polynukleotid enthaltend die Nukleotidsequenz wie in 25 SEQ ID No. 1 dargestellt;

ein Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt, enthält;

ein Vektor, enthaltend die für das oxyR-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum*, hinterlegt in *Corynebacterium glutamicum* als pT-oxyRexp unter DSM 13457, und

5 als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die den Vektor enthalten oder in denen das oxyR-Gen verstärkt ist.

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die
10 erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank eines coryneformen Bakteriums, die das vollständige Gen oder Teile davon enthält, mit einer Sonde, die die Sequenz des erfindungsgemässen Polynukleotids gemäss SEQ ID No.1 oder ein Fragment davon
15 enthält und Isolierung der genannten Polynukleotidsequenz.

Polynukleotidsequenzen gemäss der Erfindung sind als Hybridisierungs-Sonden für RNA, cDNA und DNA geeignet, um Nukleinsäuren bzw. Polynukleotide oder Gene in voller Länge zu isolieren, die für den Transkriptionsregulator OxyR
20 kodieren, oder um solche Nukleinsäuren bzw. Polynukleotide oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit der Sequenz mit der des oxyR-Gens aufweisen.

Polynukleotidsequenzen gemäss der Erfindung sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe mit der Polymerase-
25 Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für den Transkriptionsregulator OxyR kodieren.

Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende
30 Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Nukleotiden.

„Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

„Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

- 5 Die Polynukleotide gemäss Erfindung schliessen ein Polynukleotid gemäss SEQ ID No. 1 oder ein daraus hergestelltes Fragment und auch solche ein, die zu wenigstens 70 %, bevorzugt zu wenigstens 80 % und besonders zu wenigstens 90 % bis 95 % identisch sind mit dem
- 10 Polynukleotid gemäss SEQ ID No. 1 oder eines daraus hergestellten Fragments.

Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

- 15 Die Polypeptide gemäss Erfindung schliessen ein Polypeptid gemäss SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der biologischen Aktivität der Transkriptionsregulator OxyR und auch solche ein, die zu wenigstens 70 %, bevorzugt zu wenigstens 80 % und besonders die zu wenigstens 90 % bis
- 20 95 % identisch sind mit dem Polypeptid gemäss SEQ ID No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits Aminosäuren produzieren, und in denen die für das oxyR-Gen kodierenden Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

- 25 Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöht, einen starken Promotor verwendet oder ein Gen verwendet, das für ein

entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Massnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung *Corynebacterium* handeln. Bei der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum* (*C. glutamicum*), sind besonders die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032
Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806
Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870
Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
20 *Corynebacterium melassecola* ATCC17965
 Brevibacterium flavum ATCC14067
 Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
 Brevibacterium divaricatum ATCC14020

und daraus hergestellte L-Lysin produzierende Mutanten bzw. 25 Stämme, wie beispielsweise

Corynebacterium glutamicum FERM-P 1709
Brevibacterium flavum FERM-P 1708
Brevibacterium lactofermentum FERM-P 1712
Corynebacterium glutamicum FERM-P 6463
30 *Corynebacterium glutamicum* FERM-P 6464 und
 Corynebacterium glutamicum DSM5715.

Den Erfindern gelang es, das neue, für den Transkriptionsregulator OxyR kodierende oxyR-Gen von *C. glutamicum* zu isolieren.

Zur Isolierung des oxyR-Gens oder auch anderer Gene von
5 *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses
Mikroorganismus in *Escherichia coli* (*E. coli*) angelegt.
Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten
Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als
Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone,
10 Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie,
Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook
et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring
Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte
Genbank ist die des *E. coli* K-12 Stammes W3110, die von
15 Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ -Vektoren
angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General
Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von
C. glutamicum ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors
SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National
20 Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im *E. coli* K-12
Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research
16:1563-1575) angelegt wurde.

Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326)
(1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum*
25 ATCC13032 unter Verwendung des Cosmids pHC79 (Hohn und
Collins, Gene 11, 291-298 (1980)). Zur Herstellung einer
Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide
wie pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979))
oder pUC9 (Viera et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet
30 werden. Als Wirt eignen sich besonders solche *E. coli*-
Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind.
Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5 α mcr, der von Grant
et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences
USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe
35 von Cosmiden klonierten langen DNA-Fragmente können

anschliessend wiederum in gängige für die Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschliessend sequenziert werden, so wie es z.B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74:5463-5467, 1977) beschrieben ist.

Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z.B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232 (1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)) untersucht werden.

Auf diese Weise wurde die neue für das Gen oxyR kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des oxyR-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Kodes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ („sense mutations“) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d.h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, dass Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of

Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der 5 Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID No. 2 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der 10 Erfindung. Schliesslich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID No. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

15 Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. 20 (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Die Hybridisierung findet unter stringenten Bedingungen statt, das heisst, es werden nur Hybride gebildet, bei denen Sonde und Zielsequenz, d.h. die mit der Sonde behandelten Polynukleotide, mindestens 70 % identisch 25 sind. Es ist bekannt, dass die Stringenz der Hybridisierung einschliesslich der Waschschrifte durch Variieren der Pufferzusammensetzung, der Temperatur und der Salzkonzentration beeinflusst bzw. bestimmt wird. Die Hybridisierungsreaktion wird vorzugsweise bei relativ 30 niedriger Stringenz im Vergleich zu den Waschschriften durchgeführt (Hybaid Hybridisation Guide, Hybaid Limited, Teddington, UK, 1996).

Für die Hybridisierungsreaktion kann beispielsweise ein 5x SSC-Puffer bei einer Temperatur von ca. 50 - 68°C

eingesetzt werden. Dabei können Sonden auch mit Polynukleotiden hybridisieren, die weniger als 70 % Identität zur Sequenz der Sonde aufweisen. Solche Hybride sind weniger stabil und werden durch Waschen unter 5 stringenten Bedingungen entfernt. Dies kann beispielsweise durch Senken der Salzkonzentration auf 2x SSC und nachfolgend 0,5x SSC (The DIG System User's Guide for Filter Hybridisation, Boehringer Mannheim, Mannheim, Deutschland, 1995) erreicht werden, wobei eine Temperatur 10 von ca. 50 - 68°C eingestellt wird. Es ist gegebenenfalls möglich die Salzkonzentration bis auf 0,1x SSC zu senken. Durch schrittweise Erhöhung der Hybridisierungstemperatur in Schritten von ca. 1 - 2°C können Polynukleotidfragmente isoliert werden, die beispielsweise mindestens 70 % oder 15 mindestens 80 % oder mindestens 90 % bis 95 % Identität zur Sequenz der eingesetzten Sonde besitzen. Weitere Anleitungen zur Hybridisierung sind in Form sogenannter Kits am Markt erhältlich (z.B. DIG Easy Hyb von der Firma Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Catalog No. 20 1603558).

Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: A Practical Approach (IRL Press, Oxford, UK, 25 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Es wurde gefunden, dass coryneforme Bakterien nach Überexpression des oxyR-Gens in verbesserter Weise Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, produzieren.

30 Zur Erzielung einer Überexpression kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise 35 wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des

Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Lysin-Produktion zu steigern. Durch Massnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA 5 wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und 10 amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei 15 Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei 20 Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15 - 24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift 25 JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60:512-538 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Zur Verstärkung wurde das erfindungsgemäße oxyR-Gen 30 beispielhaft mit Hilfe von episomalen Plasmiden überexprimiert. Als Plasmide eignen sich solche, die in coryneformen Bakterien repliziert werden. Zahlreiche bekannte Plasmidvektoren wie z.B. pZ1 (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554), 35 pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102:93-98 (1991)) oder pHS2-1

(Sonnen et al., Gene 107:69-74 (1991)) beruhen auf den kryptischen Plasmiden pHM1519, pBL1 oder pGA1. Andere Plasmidvektoren wie z.B. solche, die auf pCG4 (US-A 4,489,160) oder pNG2 (Serwold-Davis et al., FEMS 5 Microbiology Letters 66, 119-124 (1990)) oder pAG1 (US-A 5,158,891) beruhen, können in gleicher Weise verwendet werden.

Ein Beispiel für ein Plasmid, mit Hilfe dessen das oxyR-Gen überexprimiert werden kann, ist der E.coli-C.glutamicum

10 Shuttle Vektor pT-oxyRexp. Er enthält die Replikationsregion rep des Plasmids pGA1 einschliesslich des Replikationseffectors per (US-A- 5,175,108; Nesvera et al., Journal of Bacteriology 179, 1525-1532 (1997)), das Tetracyclinresistenz vermittelnde tetA(Z)-Gen des Plasmids 15 pAG1 (US-A- 5,158,891; Genbank-Eintrag beim National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA) mit der accession number AF121000, den Replikationsursprung oriV des Plasmids pMB1 (Sutcliffe, Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology 43, 77-90 (1979)), das 20 lacZ α Genfragment einschliesslich des lac-Promotors und einer Mehrfachklonierschnittstelle („multiple cloning site“, mcs) (Norlander, J.M. et al. Gene 26, 101-106 (1983)) und die mob-Region des Plasmids RP4 (Simon et al., (1983) Bio/Technology 1:784-791).
25 Das Plasmid pT-oxyRexp ist in Figur 2 dargestellt.

Weiterhin eignen sich auch solche Plasmidvektoren mit Hilfe derer man das Verfahren der Genamplifikation durch Integration in das Chromosom anwenden kann, so wie es beispielsweise von Reinscheid et al. (Applied and

30 Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)) zur Duplikation bzw. Amplifikation des hom-thrB-Operons beschrieben wurde. Bei dieser Methode wird das vollständige Gen in einen Plasmidvektor kloniert, der in 35 einem Wirt (typischerweise E. coli), nicht aber in C. glutamicum replizieren kann. Als Vektoren kommen

beispielsweise pSUP301 (Simon et al., Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pGEM-T (Promega corporation, Madison, WI, USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994). Journal of 5 Biological Chemistry 269:32678-84; US-A 5,487,993), pCR®Blunt (Firma Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al., Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)), pEM1 (Schrumpf et al, 1991, Journal of Bacteriology 173:4510-4516) oder pBGS8 (Spratt et al., 1986, 10 Gene 41: 337-342) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zu amplifizierende Gen enthält, wird anschliessend durch Konjugation oder Transformation in den gewünschten Stamm von C. glutamicum überführt. Die Methode der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al. (Applied and 15 Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivnan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological 20 Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross over"-Ereignisses enthält der resultierende Stamm mindestens zwei Kopien des betreffenden Gens.

25 Zusätzlich kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben dem oxyR-Gen eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Pentosephosphat-Zyklus, des Zitronensäure-Zyklus oder des Aminosäure-Exports und gegebenenfalls regulatorische Proteine zu verstärken.

30 So kann beispielsweise für die Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, eines oder mehrere Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydridopicolinat-Synthase kodierende Gen dapA (EP-B 0 197 335),

- das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen gap (Eikmanns (1992)). Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Triosephosphat Isomerase kodierende Gen tpi (Eikmanns (1992)). Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende Gen pgk (Eikmanns (1992)). Journal of Bacteriology 174:6076-6086),

10 ◦ das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen pyc (Peters-Wendisch et al. (Microbiology 144, 915 - 927 (1998)),

◦ das für eine feed back resistente Aspartatkinase kodierende Gen lysC (Kalinowski et al. (1990), Molecular and General Genetics 224, 317-324; Accession No.P26512),

15 ◦ das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE (DE-A-195 48 222)

◦ das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase kodierende Gen mqo (Molenaar et al. (1998), European Journal of Biochemistry 254: 395-403),

20 ◦ das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen zwf (JP-A-09224661),

◦ das für die 6-Phosphogluconat Dehydrogenase kodierende Gen gnd (US: 09/531,265),

25 ◦ das für die Superoxid-Dismutase kodierende Gen sod (US: 09/373,731),

◦ das für das Zwal-Protein kodierende Gen zwal (DE: 199 59 328.0, DSM 13115)

verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, zusätzlich zur Verstärkung des oxyR-Gens eines oder mehrere Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 ◦ das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (DE: 199 50 409.1, DSM 13047),
- das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase kodierende Gen pgi (US: 09/396,478, DSM 12969),
- das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (DE: 199 51 975.7, DSM 13114),
- das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 (DE: 199 59 327.2, DSM 13113)

abzuschwächen, insbesondere die Expression zu verringern.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben der Überexpression des oxyR-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

 Die erfindungsgemäss hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

Das zu verwendende Kulturmedium muss in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen.

Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener

Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for

5 General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten.

Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z.B.

10 Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z.B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z.B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren wie z.B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

15 Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und 20 Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Als Phosphorquelle können Phosphorsäure,

Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.

25 Das Kulturmedium muss weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schliesslich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden.

30 Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH-Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur 5 Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe wie z.B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen 10 aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoffhaltige Gasmischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum an 15 Lysin gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die Analyse von L-Lysin kann durch Ionenaustauschchromatographie mit anschliessender Ninhydrin- Derivatisierung erfolgen, so wie bei Spackman et 20 al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben.

Folgender Mikroorganismus wurde bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäss Budapest Vertrag hinterlegt:

- 25 ◦ Corynebacterium glutamicum Stamm DSM5715/pT-oxyRexp als DSM 13457.

Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin.

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

30 Die Isolierung von Plasmid-DNA aus *Escherichia coli* sowie alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual (1989) Cold Spring

Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA) durchgeführt. Methoden zur Transformation von *Escherichia coli* sind ebenfalls in diesem Handbuch beschrieben.

Die Zusammensetzung gängiger Nährmedien wie LB- oder 5 TY-Medium kann ebenfalls dem Handbuch von Sambrook et al. entnommen werden.

Beispiel 1

Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032

10 Chromosomale DNA aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al. (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell 15 gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250) dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1 (Wahl et al. (1987) Proceedings of the National Academy of 20 Sciences USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1 Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02) 25 gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert.

Anschliessend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 30 27-0868-04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase,

Code no. 27-0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschliessend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt.

5 Zur Infektion des E. coli Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic Acid Research 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO₄ aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular 10 Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 100 mg/l Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

15 Beispiel 2

Isolierung und Sequenzierung des oxyR-Gens

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem 20 Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 25 1758250) dephosphoryliert. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Grössenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany).

30 Die DNA des Sequenzervektors pZero-1, bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01), wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI

(Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland,
Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04)
gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den
Sequenzervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al.

5 (1989, Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring
Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-Gemisch mit
T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über
Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde
anschliessend in den *E. coli* Stamm DH5 α MCR (Grant, 1990,
10 Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.,
87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS
Microbiol Letters, 123:343-7) und auf LB-Agar (Lennox,
1955, Virology, 1:190) mit 50 mg/l Zeocin ausplattiert.

Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit
15 dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden,
Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der
Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977,
Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.,
74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al.
20 (1990, Nucleic Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR
dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied
Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland)
verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und
Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem
25 "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product
No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism
377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems
(Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschliessend unter
30 Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids
Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die
Einzelsequenzen der pZero1-Derivate wurden zu einem
zusammenhängenden Contig assembliert. Die
computergestützte Kodierbereichsanalyse wurde mit dem

Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt.

Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein 5 offenes Leseraster von 981 Basenpaaren, welches als oxyR-Gen bezeichnet wurde. Das oxyR-Gen kodiert für ein Protein von 327 Aminosäuren.

Beispiel 3

Herstellung eines Shuttlevektors pT-oxyRexp zur Verstärkung 10 des oxyR-Gens in C. glutamicum

3.1. Klonierung des oxyR Gens

Aus dem Stamm ATCC 13032 wurde nach der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817-1828 (1994)) 15 chromosomal DNA isoliert. Aufgrund der aus Beispiel 2 für C. glutamicum bekannten Sequenz des oxyR Gens wurden die folgenden Oligonukleotide für die Polymerase Kettenreaktion ausgewählt:

OxyR (oxy-exp):

5` GAT CGA GAA TTC AAA GGA AGA TCA GCT TAG 3`

20 OxyR (oxy R2):

5` GGA AAA CCT CTA GAA AAA CT 3`

Die dargestellten Primer wurden von der Firma ARK 25 Scientific GmbH Biosystems (Darmstadt, Deutschland) synthetisiert und nach der Standard-PCR-Methode von Innis et al. (PCR protocols. A guide to methods and applications, 1990, Academic Press) mit Pwo-Polymerase der Firma Roche Diagnostics GmbH (Mannheim, Deutschland) die PCR Reaktion durchgeführt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion ermöglichen die Primer die Amplifikation eines ca. 1,43 kb 30 grossen DNA-Fragmentes, welches das oxyR Gen trägt. Ausserdem enthält der Primer OxyR (oxy-exp) die Sequenz für die Schnittstelle der Restriktionsendonuklease EcoRI, und

der Primer OxyR (oxy R2) die Schnittstelle der Restriktionsendonuklease XbaI, die in der oben dargestellten Nukleotidabfolge durch Unterstreichungen markiert sind.

- 5 Das amplifizierte DNA Fragment von ca. 1,43 kb, welches das oxyR Gen trägt, wurde mit dem Zero Blunt™ Kit der Firma Invitrogen Corporation (Carlsbad, CA, USA; Katalog Nummer K2700-20) in den Vektor pCR®Blunt II (Bernard et al., Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)) ligiert.
- 10 Anschliessend wurde der E. coli Stamm Top10 (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) mit dem Ligationsansatz nach Angaben des Kit-Herstellers (Firma Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA, USA) transformiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden
- 15 Zellen erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989), der mit 25 mg/l Kanamycin supplementiert worden war.
- 20 Plasmid-DNA wurde aus einer Transformante mit Hilfe des QIAprep Spin Miniprep Kit der Firma Qiagen (Hilden, Deutschland) isoliert und durch Behandlung mit den Restriktionsenzym XbaI und EcoRI mit anschliessender Agarosegel-Elektrophorese (0,8 %) überprüft. Die DNA
- 25 Sequenz des amplifizierten DNA Fragmentes wurde durch Sequenzierung überprüft. Das Plasmid wurde pCR-oxyRexp genannt. Der Stamm wurde als E. coli Top10 / pCR-oxyRexp bezeichnet.

3.2. Herstellung des E. coli - C. glutamicum Shuttle

- 30 Vektors pEC-T18mob2

Nach dem Stand der Technik wurde der E. coli - C. glutamicum Shuttle-Vektor konstruiert. Der Vektor enthält die Replikationsregion rep des Plasmids pGAI einschliesslich des Replikationseffectors per (US-A-35 5,175,108; Nesvera et al., Journal of Bacteriology 179,

1525-1532 (1997)), das Tetracyclinresistenz vermittelnde tetA(Z)-Gen des Plasmids pAG1 (US-A- 5,158,891; Genbank-Eintrag beim National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA) mit der accession number 5 AF121000), die Replikationsregion oriV des Plasmids pMB1 (Sutcliffe, Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology 43, 77-90 (1979)), das lacZ α Genfragment einschliesslich des lac-Promotors und einer Mehrfachklonierschnittstelle (multiple cloning site, mcs) 10 (Norrrander, J.M. et al. Gene 26, 101-106 (1983)) und die mob-Region des Plasmids RP4 (Simon et al., (1983) Bio/Technology 1:784-791). Der konstruierte Vektor wurde in den E. coli Stamm DH5 α (Hanahan, In: DNA cloning. A Practical Approach. Vol. I. IRL-Press, Oxford, Washington 15 DC, USA) transformiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.), der mit 20 5 mg/l Tetracyclin supplementiert worden war. Plasmid-DNA wurde aus einer Transformante mit Hilfe des QIAprep Spin Miniprep Kit der Firma Qiagen isoliert und durch Restriktion mit dem Restriktionsenzym EcoRI und HindIII anschliessender Agarosegel-Elektrophorese (0,8 %) 25 überprüft. Das Plasmid wurde pEC-T18mob2 genannt und ist in Figur 1 dargestellt.

Folgender Mikroorganismus wurde bei der Deutschen Sammlung für Mikrorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäss Budapest Vertrag hinterlegt:

30 • Escherichia coli Stamm DH5 α /pEC-T18mob2 als DSM 13244

3.3. Klonierung von oxyR im E. coli-C. glutamicum Shuttle Vektor pEC-T18mob2

Als Vektor wurde der in Beispiel 3.2 beschriebene E. coli - C. glutamicum Shuttle-Vektor pEC-T18mob2 verwendet. DNA

dieses Plasmids wurde mit den Restriktionsenzymen EcoRI und XbaI vollständig gespalten und anschliessend mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) 5 dephosphoryliert.

Aus dem in Beispiel 3.1. beschriebenen Plasmid pCR-oxyRexp wurde das oxyR Gen durch vollständige Spaltung mit den Enzymen EcoRI und XbaI isoliert. Das ca. 1400bp grosse oxyR Fragment wurde aus dem Agarosegel mit dem QiaExII Gel 10 Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany) isoliert.

Das auf diese Weise gewonnene oxyR-Fragment wurde mit dem vorbereiteten Vektor pEC-T18mob2 gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, 15 Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-0870-04) behandelt. Der Ligationsansatz wurde in den E. coli Stamm DH5 α (Hanahan, In: DNA cloning. A Practical Approach. Vol. I. IRL-Press, Oxford, Washington DC, USA) transformiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen 20 erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 5 mg/l Tetracyclin. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektiert. Plasmid DNA wurde aus einer Transformante mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit 25 (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit den Restriktionsenzymen EcoRI und XbaI gespalten, um das Plasmid durch anschliessende Agarosegel-Elektrophorese zu überprüfen. Das erhaltene Plasmid wurde pT-oxyRexp genannt. Es ist in 30 Figur 2 dargestellt.

Beispiel 4

Transformation des Stammes DSM5715 mit dem Plasmid pT-oxyRexp

Der Stamm DSM5715 wurde mit dem Plasmid pT-oxyRexp unter Anwendung der von Liebl et al., (FEMS Microbiology Letters, 53:299-303 (1989)) beschriebenen Elektroporationsmethode transformiert. Die Selektion der Transformanten erfolgte 5 auf LBHIS Agar bestehend aus 18,5 g/l Brain-Heart Infusion Boullion, 0,5 M Sorbitol, 5 g/l Bacto-Trypton, 2,5 g/l Bacto-Yeast-Extract, 5 g/l NaCl und 18 g/l Bacto-Agar, der mit 5 mg/l Tetracyclin supplementiert worden war. Die Inkubation erfolgte für 2 Tage bei 33°C.

10 Plasmid DNA wurde aus einer Transformante nach den üblichen Methoden isoliert (Peters-Wendisch et al., 1998, Microbiology, 144, 915 - 927), mit den Restriktionsendonukleasen EcoRI und XbaI geschnitten und das Plasmid durch anschliessende Agarosegel-Elektrophorese 15 überprüft. Der erhaltene Stamm wurde DSM5715/pT-oxyRexp genannt.

Beispiel 5

Herstellung von Lysin

Der in Beispiel 4 erhaltene C. glutamicum Stamm DSM5715/pT-oxyRexp wurde in einem zur Produktion von Lysin geeigneten Nährmedium kultiviert und der Lysingehalt im Kulturüberstand bestimmt.

Dazu wurde der Stamm zunächst auf Agarplatte mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hirn-Herz-Agar mit Tetracyclin 25 (5 mg/l)) für 24 Stunden bei 33°C inkubiert. Ausgehend von dieser Agarplattenkultur wurde eine Vorkultur angeimpft (10 ml Medium im 100 ml Erlenmeyerkolben). Als Medium für die Vorkultur wurde das Vollmedium CgIII verwendet.

Medium Cg III

NaCl 2,5 g/l

Bacto-Pepton 10 g/l

Bacto-Yeast-Extrakt 10 g/l

Glucose (getrennt autoklaviert) 2 % (w/v)

Der pH-Wert wurde auf pH 7.4
eingestellt

Diesem wurde Tetracyclin (5 mg/l) zugesetzt. Die Vorkultur
wurde 16 Stunden bei 33°C bei 240 rpm auf dem Schüttler
inkubiert. Von dieser Vorkultur wurde eine Hauptkultur
5 angeimpft, so dass die Anfangs-OD (660 nm) der Hauptkultur
0,05 betrug. Für die Hauptkultur wurde das Medium MM
verwendet.

Medium MM

CSL (Corn Steep Liquor)	5 g/l
MOPS (Morpholinopropansulfonsäure)	20 g/l
Glucose (getrennt autoklaviert)	50 g/l
$(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$	25 g/l
KH_2PO_4	0,1 g/l
$\text{MgSO}_4 \cdot 7 \text{ H}_2\text{O}$	1,0 g/l
$\text{CaCl}_2 \cdot 2 \text{ H}_2\text{O}$	10 mg/l
$\text{FeSO}_4 \cdot 7 \text{ H}_2\text{O}$	10 mg/l
$\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$	5,0 mg/l
Biotin (sterilfiltriert)	0,3 mg/l
Thiamin * HCl (sterilfiltriert)	0,2 mg/l
L-Leucin (sterilfiltriert)	0,1 g/l
CaCO_3	25 g/l

CSL, MOPS und die Salzlösung wurden mit Ammoniakwasser auf pH 7 eingestellt und autoklaviert. Anschliessend wurden 5 die sterilen Substrat- und Vitaminlösungen zugesetzt, sowie das trocken autoklavierte CaCO_3 .

Die Kultivierung erfolgt in 10 ml Volumen in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit Schikanen. Es wurde Tetracyclin (5 mg/l) zugesetzt. Die Kultivierung erfolgte bei 33°C und 10 80 % Luftfeuchte.

Nach 72 Stunden wurde die OD bei einer Messwellenlänge von 660 nm mit dem Biomek 1000 (Beckmann Instruments GmbH, München) ermittelt. Die gebildete Lysinmenge wurde mit einem Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik 5 (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie und Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrindetektion bestimmt.

In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuchs dargestellt.

Tabelle 1

Stamm	OD(660)	Lysin-HCl g/l
DSM5715	6,8	13,68
DSM5715/pT-oxyRexp	6,5	14,73

Folgende Figuren sind beigefügt:

Figur 1: Karte des Plasmids pEC-T18mob2

Figur 2: Karte des Plasmids pT-oxyRexp

Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben

5 folgende Bedeutung:

per: Gen zur Kontrolle der Kopienzahl aus pGA1

oriV: ColE1-ähnlicher Origin aus pMB1

rep: Plasmidkodierte Replikationsregion aus
C. glutamicum Plasmid pGA1

10 RP4mob: RP4-Mobilisierungs-Site

lacZ-alpha: lacZ-Genfragment aus E.coli

Tet: Resistenzgen für Tetracyclin

oxyR: oxyR-Gen von C.glutamicum

EcoRI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms EcoRI

15 Ecl136II: Schnittstelle des Restriktionsenzyms Ecl136II

HindIII: Schnittstelle des Restriktionsenzyms HindIII

KpnI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms KpnI

20 SalI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms SalI

SmaI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms SmaI

25 PstI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms PstI

BamHI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms BamHI

XbaI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms XbaI

XmaI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms XmaI

XhoI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms XhoI

25 PstI: Schnittstelle des Restriktionsenzyms PstI

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Degussa-Hüls AG

5 <120> Neue für das oxyR-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

<130> 000199 BT

<140>

10 <141>

<160> 3

15 <170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 1675

<212> DNA

20 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (491)..(1471)

<223> oxyR-Gen

25

<220>

<221> CDS

<222> (491)..(1471)

<223> oxyR-Gen

30

<400> 1

gccaaccgca gggcatttac catcatggtg cgcaacgcca tggccgcct tggagacta 60

35 tttgcttatg aaaaggaaga tcagcttagt cagatgactg aatacctgga tgaggctcct 120

gatttcggtg ctgcgatgga tgcgtacttt gatgaatatg cggatcttga taccggcccg 180

gcagctcggt gaccagagtt cttcaaggta gggcacacgg gaagaatgtg ggagggtgcgt 240

40

caggtggta aggatccaga aggtgataat tccttcgcgt ttgttgcac cattgatctt 300

gatgcctctg atgatgcagg tgagggtgcgt ttggatcgc tgcgtattt ccacaactag 360

45 gggtttgcgt cgaaaagcaa gcacgcctgg tgcctgattt gagcggtttt acctatggcg 420

cttggcgcc gtcaaactgt cccagcgatt tcattattat ttctgtgcattt tcaccgttat 480

agttataggc atg agc aat aaa gag tac cgg ccc aca ctc gcc cag ctt 529

Met Ser Asn Lys Glu Tyr Arg Pro Thr Leu Ala Gln Leu

50

1

5

10

55 cgc acc ttt gtc acc atc gca gaa tgc aag cac ttt ggt act gct gcc 577

Arg Thr Phe Val Thr Ile Ala Glu Cys Lys His Phe Gly Thr Ala Ala

15

20

25

acc aag ctg tcc att tcg cag cca tcc ctc tcc cag gca ctt gtc gca 625

Thr Lys Leu Ser Ile Ser Gln Pro Ser Leu Ser Gln Ala Leu Val Ala

30

35

40

45

	tta gaa aca gac ggc ctg gga gtt cag ctg att gaa cgc tcc acc cgc aag Leu Glu Thr Gly Leu Gly Val Gln Leu Ile Glu Arg Ser Thr Arg Lys 50 55 60	673
5	gtc att gtc acc cca gcg ggc gag aag ttg ctg cca ttc gcc aaa tcc Val Ile Val Thr Pro Ala Gly Glu Lys Leu Leu Pro Phe Ala Lys Ser 65 70 75	721
10	acc ctt gac gcg gcg gag tct ttc ctc tcc cac gcc aag ggc gcc aac Thr Leu Asp Ala Ala Glu Ser Phe Leu Ser His Ala Lys Gly Ala Asn 80 85 90	769
15	ggg tcg ctc act gga ccg ttg acc gta ggc atc atc ccc acg gcg gct Gly Ser Leu Thr Gly Pro Leu Thr Val Gly Ile Ile Pro Thr Ala Ala 95 100 105	817
20	cct tac att ttg ccg tca atg ctg tcc atc gtg gat gaa gaa tat cca Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Met Leu Ser Ile Val Asp Glu Glu Tyr Pro 110 115 120 125	865
	gat ctg gaa cct cac atc gtc gag gac caa acc aag cat ctt ctc gcg Asp Leu Glu Pro His Ile Val Glu Asp Gln Thr Lys His Leu Leu Ala 130 135 140	913
25	ttg ctg cgc gac ggc gcc atc gac gtc gcc atg atg gcc ctg cct tct Leu Leu Arg Asp Gly Ala Ile Asp Val Ala Met Met Ala Leu Pro Ser 145 150 155	961
30	gag gca cca ggc atg aag gaa atc ccc ctc tac gac gaa gac ttt atc Glu Ala Pro Gly Met Lys Glu Ile Pro Leu Tyr Asp Glu Asp Phe Ile 160 165 170	1009
35	gtc gtt aca gct agc gat cac ccc ttc gcc ggc cgc caa gac tta gaa Val Val Thr Ala Ser Asp His Pro Phe Ala Gly Arg Gln Asp Leu Glu 175 180 185	1057
40	cta tcc gcc tta gaa gac ctc gat ctg ctg ctt ctc gac gac gga cac Leu Ser Ala Leu Glu Asp Leu Asp Leu Leu Leu Asp Asp Gly His 190 195 200 205	1105
	tgc ctc cac gac caa att gtg gac ctg tgc cgc cgc gga gac atc aac Cys Leu His Asp Gln Ile Val Asp Leu Cys Arg Arg Gly Asp Ile Asn 210 215 220	1153
45	ccc att agc tcc act act gct gtc acc cgc gca tcc agc ctt acc acc Pro Ile Ser Ser Thr Ala Val Thr Arg Ala Ser Ser Leu Thr Thr 225 230 235	1201
50	gtc atg cag ctc gtc gtc gcc ggc ctt gga tcc acc ttg gtc cca atc Val Met Gln Leu Val Val Ala Gly Leu Gly Ser Thr Leu Val Pro Ile 240 245 250	1249
55	agc gca atc cca tgg gaa tgc acc cga cca gga ctg gca aca gcc aac Ser Ala Ile Pro Trp Glu Cys Thr Arg Pro Gly Leu Ala Thr Ala Asn 255 260 265	1297
	ttc aac tct gat gtc acc gca aac cgc cgc att gga ttg gtg tac cgt Phe Asn Ser Asp Val Thr Ala Asn Arg Arg Ile Gly Leu Val Tyr Arg 270 275 280 285	1345

5	tcc tct tct tct cgc gcc gaa gag ttc gaa cag ttt gca ctc att ttg Ser Ser Ser Ser Arg Ala Glu Glu Phe Glu Gln Phe Ala Leu Ile Leu 290 295 300	1393
10	cag cgc gct ttc caa gaa gcc gtc gcg ctt gct gcc tca act ggc atc Gln Arg Ala Phe Gln Glu Ala Val Ala Leu Ala Ser Thr Gly Ile 305 310 315	1441
15	acc ttg aag caa aat gtc gcg gta gcg cag taagttttc tagaggttt Thr Leu Lys Gln Asn Val Ala Val Ala Gln 320 325	1491
20	ccagagtcag ctacaagcaa aaagcccttt ccattgatgc acaccaacgt gagattcaag ggaaagggct ttattgattt cagaatgcct actgcattag cggcgctcca ccggaatatt tccaccactg atctggcggt aaatatgaac ggttagacagc atcattactg gcagcacgat gatc	1551 1611 1671 1675
25	<210> 2 <211> 327 <212> PRT <213> Corynebacterium glutamicum	
30	<400> 2 Met Ser Asn Lys Glu Tyr Arg Pro Thr Leu Ala Gln Leu Arg Thr Phe 1 5 10 15	
35	Val Thr Ile Ala Glu Cys Lys His Phe Gly Thr Ala Ala Thr Lys Leu 20 25 30	
40	Ser Ile Ser Gln Pro Ser Leu Ser Gln Ala Leu Val Ala Leu Glu Thr 35 40 45	
45	Gly Leu Gly Val Gln Leu Ile Glu Arg Ser Thr Arg Lys Val Ile Val 50 55 60	
50	Thr Pro Ala Gly Glu Lys Leu Leu Pro Phe Ala Lys Ser Thr Leu Asp 65 70 75 80	
55	Ala Ala Glu Ser Phe Leu Ser His Ala Lys Gly Ala Asn Gly Ser Leu 85 90 95	
60	Thr Gly Pro Leu Thr Val Gly Ile Ile Pro Thr Ala Ala Pro Tyr Ile 100 105 110	
65	Leu Pro Ser Met Leu Ser Ile Val Asp Glu Glu Tyr Pro Asp Leu Glu 115 120 125	
70	Pro His Ile Val Glu Asp Gln Thr Lys His Leu Leu Ala Leu Leu Arg 130 135 140	
75	Asp Gly Ala Ile Asp Val Ala Met Met Ala Leu Pro Ser Glu Ala Pro 145 150 155 160	

Gly Met Lys Glu Ile Pro Leu Tyr Asp Glu Asp Phe Ile Val Val Thr
165 170 175

5 Ala Ser Asp His Pro Phe Ala Gly Arg Gln Asp Leu Glu Leu Ser Ala
180 185 190

Leu Glu Asp Leu Asp Leu Leu Leu Asp Asp Gly His Cys Leu His
195 200 205

10 Asp Gln Ile Val Asp Leu Cys Arg Arg Gly Asp Ile Asn Pro Ile Ser
210 215 220

Ser Thr Thr Ala Val Thr Arg Ala Ser Ser Leu Thr Thr Val Met Gln
225 230 235 240

15 Leu Val Val Ala Gly Leu Gly Ser Thr Leu Val Pro Ile Ser Ala Ile
245 250 255

20 Pro Trp Glu Cys Thr Arg Pro Gly Leu Ala Thr Ala Asn Phe Asn Ser
260 265 270

Asp Val Thr Ala Asn Arg Arg Ile Gly Leu Val Tyr Arg Ser Ser Ser
275 280 285

25 Ser Arg Ala Glu Glu Phe Glu Gln Phe Ala Leu Ile Leu Gln Arg Ala
290 295 300

Phe Gln Glu Ala Val Ala Leu Ala Ala Ser Thr Gly Ile Thr Leu Lys
305 310 315 320

30 Gln Asn Val Ala Val Ala Gln
325

Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
 - 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
 - b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
 - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
 - 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),
- wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des Transkriptionsregulators OxyR aufweist.
- 20 2. Polynukleotid gemäss Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotid gemäss Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.
- 25 4. Polynukleotid gemäss Anspruch 2, enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.
5. Replizierbare DNA gemäss Anspruch 2, enthaltend
 - (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder

- (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz
 - (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Kodes entspricht, oder
- (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz
 - 5 (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls
- (iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).

6. Polynukleotidsequenz gemäss Anspruch 2, die für ein Polypeptid kodiert, das die in SEQ ID No. 2 dargestellte Aminosäuresequenz enthält.

10 7. Coryneformen Bakterien, in denen das oxyR-Gen verstärkt, insbesondere überexprimiert wird.

8. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin,
15 d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man folgende Schritte durchführt:

- a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure produzierenden coryneformen Bakterien, in denen man zumindest das oxyR-Gen oder dafür kodierende Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert;
- b) Anreicherung der L-Aminosäure im Medium oder in den Zellen der Bakterien, und
- c) Isolieren der L-Aminosäure.

25 9. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man Bakterien einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.

10. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man Bakterien einsetzt, in denen die
Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet
5 sind, die die Bildung der gewünschten L-Aminosäure
verringern.
11. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man einen mit einem Plasmidvektor transformierten
10 Stamm einsetzt, und der Plasmidvektor die für das oxyR-
Gen kodierende Nukleotidsequenz trägt.
12. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man die Expression des Polynukleotides, das für
15 das oxyR-Gen kodiert verstärkt, insbesondere
überexprimiert.
13. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man die regulatorischen Eigenschaften des
20 Polypeptids (Enzymprotein) erhöht, für das das
Polynukleotid oxyR kodiert.
14. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man zur Herstellung von L-Aminosäuren,
25 insbesondere L-Lysin, coryneforme Mikroorganismen
fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder
mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
- 14.1 das für die Dihydrodipicolinat-Synthase
kodierende Gen dapA,
- 30 14.2 das für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat
Dehydrogenase kodierende Gen gap,

14.3 das für die Triosephosphat Isomerase kodierende Gen *tpi*,

14.4 das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende Gen *pgk*,

5 14.5 das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende Gen *pyc*,

14.6 das für den Lysin-Export kodierende Gen *lysE*,

14.7 das das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase kodierende Gen *mqa*,

10 14.8 das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen *zwf*,

14.9 das für die 6-Phosphogluconat Dehydrogenase kodierende Gen *gnd*,

14.10 das für die Superoxid-Dismutase kodierende Gen *sod*,

15 14.11 das für das Zwal-Protein kodierende Gen *zwal*,

14.12 das für eine feed back resistente Aspartatkinase kodierende Gen *lysC*,

verstärkt bzw. überexprimiert.

20 15. Verfahren gemäss Anspruch 8,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man zur Herstellung von L-Aminosäuren,
insbesondere L-Lysin, coryneformen Mikroorganismen
fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder
25 mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

15.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen *pck*,

15.2 das für die Glucose-6-Phosphat6 Isomerase kodierende Gen pgi

15.3 das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB,

5 15.4 das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 abschwächt.

16. Coryneformen Bakterien, die einen Vektor enthalten, der ein Polynukleotid gemäss Anspruch 1 trägt.

17. Verfahren gemäss einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche,
10 dadurch gekennzeichnet,
dass man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium einsetzt.

18. Verfahren zum Auffinden von RNA, cDNA und DNA, um
15 Nukleinsäuren, beziehungsweise Polynukleotide oder Gene zu isolieren, die für den Transkriptionsregulator OxyR kodieren oder eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des oxyR-Gens aufweisen,
dadurch gekennzeichnet,
20 dass man die Polynukleotidsequenzen gemäss Anspruch 1, 2, 3 oder 4 als Hybridisierungssonden einsetzt.

19. Verfahren gemäss Anspruch 18,
dadurch gekennzeichnet,
dass die Hybridisierung unter einer Stringenz
25 entsprechend höchstens 2x SSC durchgeführt wird.

Zusammenfassung

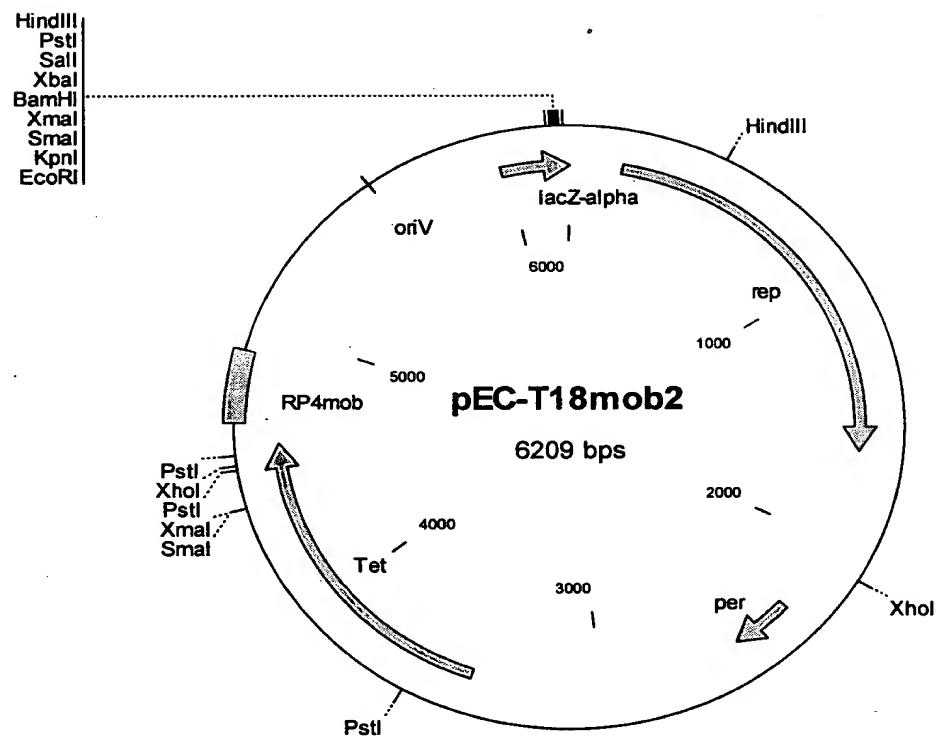
Die Erfindung betrifft ein isoliertes Polynukleotid, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- 15 c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen zumindest das oxyR-Gen verstärkt vorliegt, und die Verwendung der Polynukleotidsequenzen als Hybridisierungssonden.

Figur 1: Karte des Plasmids pEC-T18mob2

5



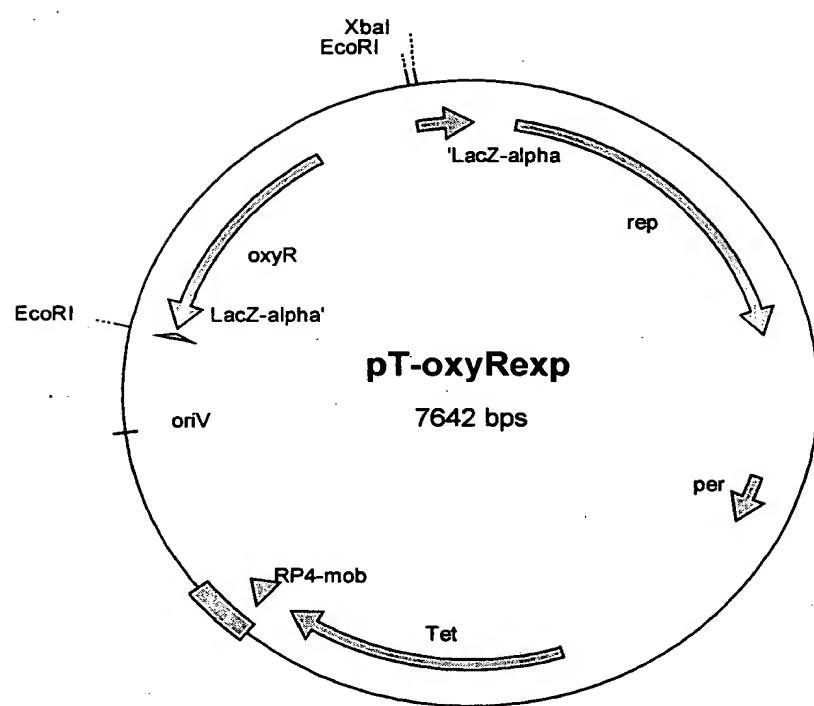
Figur 2: Karte des Plasmids pT-oxyRexp

5

10

15

20



BUDAPESTER VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE
ANERKENNUNG DER HINTERLEGUNG VON MIKROORGANISMEN
FÜR DIE ZWECKE VON PATENTVERFAHREN

INTERNATIONALES FORMBLATT

Degussa-Hüls AG
Kantstr. 2
33790 Halle i.W.

EMPFANGSBESTÄTIGUNG BEI ERSTHINTERLEGUNG,
ausgestellt gemäß Regel 7.1 von der unten angegebenen
INTERNATIONALEN HINTERLEGUNGSSTELLE

I. KENNZEICHNUNG DES MIKROORGANISMUS

Vom HINTERLEGER zugewiesenes Bezugssymbol:
DH5 α /pEC-T18mob2

Von der INTERNATIONALEN HINTERLEGUNGSSTELLE
zugeteilte EINGANGSNUMMER:
DSM 13244

II. WISSENSCHAFTLICHE BESCHREIBUNG UND/ODER VORGESCHLAGENE TAXONOMISCHE BEZEICHNUNG

Mit dem unter I. bezeichneten Mikroorganismus wurde

eine wissenschaftliche Beschreibung
 eine vorgeschlagene taxonomische Bezeichnung

eingereicht.
(Zutreffendes ankreuzen).

III. EINGANG UND ANNAHME

Diese internationale Hinterlegungsstelle nimmt den unter I bezeichneten Mikroorganismus an, der bei ihr am 2000-01-20 (Datum der Ersthinterlegung)¹ eingegangen ist.

IV. EINGANG DES ANTRAGS AUF UMWANDLUNG

Der unter I bezeichnete Mikroorganismus ist bei dieser Internationalen Hinterlegungsstelle am eingegangen (Datum der Ersthinterlegung) und ein Antrag auf Umwandlung dieser Ersthinterlegung in eine Hinterlegung gemäß Budapest Vertrag ist am eingegangen (Datum des Eingangs des Antrags auf Umwandlung).

V. INTERNATIONALE HINTERLEGUNGSSTELLE

Name: DSMZ-DEUTSCHE SAMMLUNG VON
MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH

Anschrift: Mascheroder Weg 1b
D-38124 Braunschweig

Unterschrift(en) der zur Vertretung der internationalen Hinterlegungsstelle
befugten Person(en) oder des (der) von ihr ermächtigten Bediensteten:



Datum: 2000-01-25

¹ Falls Regel 6.4 Buchstabe d zutrifft, ist dies der Zeitpunkt, zu dem der Status einer internationalen Hinterlegungsstelle erworben worden ist.

BUDAPESTER VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE
ANERKENNUNG DER HINTERLEGUNG VON MIKROORGANISMEN
FÜR DIE ZWECKE VON PATENTVERFAHREN

INTERNATIONALES FORMBLATT

Degussa-Hüls AG
Kantstr. 2

33790 Halle i.W.

LEBENSFÄHIGKEITSBESCHEINIGUNG
ausgestellt gemäß Regel 10.2 von der unten angegebenen
INTERNATIONALEN HINTERLEGUNGSSTELLE

I. HINTERLEGER		II. KENNZEICHNUNG DES MIKROORGANISMUS
Name: Degussa-Hüls AG Kantstr. 2 Anschrift: 33790 Halle i.W.		Von der INTERNATIONALEN HINTERLEGUNGSSTELLE zugeteilte EINGANGSNUMMER: DSM 13244 Datum der Hinterlegung oder Weiterleitung: 2000-01-20
III. LEBENSFÄHIGKEITSBESCHEINIGUNG		
Die Lebensfähigkeit des unter II genannten Mikroorganismus ist am 2000-01-20 ¹ geprüft worden. Zu diesem Zeitpunkt war der Mikroorganismus		
<input checked="" type="checkbox"/> ² lebensfähig <input type="checkbox"/> ³ nicht mehr lebensfähig		
IV. BEDINGUNGEN, UNTER DENEN DIE LEBENSFÄHIGKEITSPRÜFUNG DURCHGEFÜHRT WORDEN IST⁴		
V. INTERNATIONALE HINTERLEGUNGSSTELLE		
Name: DSMZ-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Anschrift: Mascheroder Weg 1b D-38124 Braunschweig		Unterschrift(en) der zur Vertretung der internationalen Hinterlegungsstelle befugten Person(en) oder des (der) von ihr ermächtigten Bediensteten:  Datum: 2000-01-25

¹ Angabe des Datums der Ersthinterlegung. Wenn eine erneute Hinterlegung oder eine Weiterleitung vorgenommen worden ist, Angabe des Datums der jeweils letzten erneuten Hinterlegung oder Weiterleitung.

² In den in Regel 10.2 Buchstabe a Ziffer ii und iii vorgesehenen Fällen Angabe der letzten Lebensfähigkeitsprüfung.

³ Zutreffendes ankreuzen.

⁴ Ausfüllen, wenn die Angaben beantragt worden sind und wenn die Ergebnisse der Prüfung negativ waren.

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Degussa-Hüls AG
Kantstr. 2

33790 Halle i.W.

RECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM

Identification reference given by the DEPOSITOR: DH5 α /pEC-T18mob2	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY: DSM 13244
---	---

II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR PROPOSED TAXONOMIC DESIGNATION

The microorganism identified under I. above was accompanied by:

a scientific description
 a proposed taxonomic designation

(Mark with a cross where applicable).

III. RECEIPT AND ACCEPTANCE

This International Depository Authority accepts the microorganism identified under I. above, which was received by it on 2000-01-20
(Date of the original deposit)¹.

IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION

The microorganism identified under I above was received by this International Depository Authority on (date of original deposit)
and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request
for conversion).

V. INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY

Name: DSMZ-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depository Authority or of authorized official(s):  Date: 2000-01-25
Address: Mascheroder Weg 1b D-38124 Braunschweig	

¹ Where Rule 6.4 (d) applies, such date is the date on which the status of international depositary authority was acquired.

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Degussa-Hüls AG
Kantstr. 2

33790 Halle i.W.

VIABILITY STATEMENT
issued pursuant to Rule 10.2 by the
INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. DEPOSITOR	
Name: Degussa-Hüls AG Kantstr. 2 Address: 33790 Halle i.W.	
II. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY: DSM 13244 Date of the deposit or the transfer: 2000-01-20	
III. VIABILITY STATEMENT	
The viability of the microorganism identified under II above was tested on 2000-01-20. On that date, the said microorganism was (<input checked="" type="checkbox"/>) ³ viable (<input type="checkbox"/>) ³ no longer viable	
IV. CONDITIONS UNDER WHICH THE VIABILITY TEST HAS BEEN PERFORMED⁴	
V. INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY	
Name: DSMZ-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Address: Mascheroder Weg 1b D-38124 Braunschweig	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s):  Date: 2000-01-25

¹ Indicate the date of original deposit or, where a new deposit or a transfer has been made, the most recent relevant date (date of the new deposit or date of the transfer).

² In the cases referred to in Rule 10.2(a) (ii) and (iii), refer to the most recent viability test.

³ Mark with a cross the applicable box.

⁴ Fill in if the information has been requested and if the results of the test were negative.